

Eva Kašná  
Ludmila Zavadilová  
Anita Klímová  
Zuzana Krupová

## ODHAD GENOMICKÝCH PLEMENNÝCH HODNOT PRO DÉLKU BŘEZOSTI U HOLŠTÝNSKÉHO SKOTU



**ISBN: 978-80-7403-255-4**

## CERTIFIKOVANÁ METODIKA

### ODHAD GENOMICKÝCH PLEMENNÝCH HODNOT PRO DÉLKU BŘEZOSTI U HOLŠTÝNSKÉHO SKOTU

Autoři

**Ing. Eva Kašná, Ph.D.** (60 %)  
**Ing. Ludmila Zavadilová, CSc.** (20 %)  
**Ing. Anita Klímová, Ph.D.** (10 %)  
**Ing. Zuzana Krupová, Ph.D.** (10 %)

Oponenti

**Ing. Zdenka Majzlíková**  
Česká plemenářská inspekce, Praha  
**doc. Ing. Karel Mach, CSc.**  
emeritní docent  
Katedra genetiky a šlechtění  
Česká zemědělská univerzita v Praze

**Metodika byla vypracována v rámci řešení  
projektu NAZV QK1810253**

**Předkladatel:** Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i.  
se sídlem Přátelství 815, 104 00 Praha Uhřetěves  
zastoupený doc. Ing. Petrem Homolkou, CSc., Ph.D., ředitelem  
Tel.: 267 009 511 (ústředna)  
Fax: + 420 267 710 779  
www: <http://www.vuzv.cz>  
e-mail: [vuzv@vuzv.cz](mailto:vuzv@vuzv.cz)  
Zástupcem autorského týmu je Ing. Eva Kašná, Ph.D.

## Česká plemenářská inspekce

Slezská 100/7, Praha 2, 120 00

v y d á v á

### OSVĚDČENÍ

9371/2021-ČPI

o uznání metodiky v souladu s podmínkami Metodiky hodnocení výzkumných organizací a programů účelové podpory výzkumu, vývoje a inovací, schválené usnesením vlády dne 8. února 2017, číslo 107 a její samostatné přílohy č. 4 schválené usnesením vlády dne 29. listopadu 2017 č. 837.

Název metodiky:

#### **Odhad genomických plemenných hodnot pro délku březosti u holštýnského skotu**

Autoři: Ing. Eva Kašná, PhD., Ing. Ludmila Zavadilová, CSc., Ing. Anita Klímová, Ph.D., Ing. Zuzana Krupová, PhD.

Název organizace/cí: Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i., Přátelství 815, 104 00 Praha Uhřetěves

Místo vydání: Výzkumný ústav živočišné výroby, v.v.i.

Rok vydání: **2021**

Metodika byla vypracována v rámci výzkumného projektu/podpory na rozvoj výzkumné organizace v rámci řešení projektu QK1810253 „Odhad genomických plemenných hodnot pro délku březosti u holštýnského skotu“ NAZV Ministerstva zemědělství ČR.

Jméno zástupce odborného útvaru státní správy:

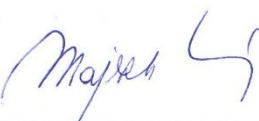
Funkce zástupce odborného útvaru státní správy:

Ing. Zdenka Majzlíková

ředitelka


V Praze dne 15. 11. 2021

Česká plemenářská inspekce  
Slezská 100/7  
120 00 Praha 2  
1

  
.....  
Podpis/elektronický podpis zástupce  
odborného útvaru státní správy

Souhlas ředitele Odboru vědy, výzkumu a vzdělávání MZe:

V Praze dne 16. 11. 2021

  
.....  
Podpis/elektronický podpis  
ředitele/ředitelky Odboru vědy, výzkumu  
a vzdělávání

## Obsah

1. Cíl metodiky .....	6
2. Vlastní popis metodiky.....	6
2.1 Úvod .....	6
2.2 Popis a úprava datových souborů .....	6
2.2.1 Soubor délky březosti .....	6
2.2.2 Soubor rodokmenů kdb001.....	8
2.2.3 Soubor genotypů .....	8
2.3 Modelová rovnice pro odhad složek rozptylu.....	8
2.4 Složky rozptylu .....	9
2.5 Genomické plemenné hodnoty.....	9
3. Srovnání novosti postupů .....	9
4. Popis uplatnění certifikované metodiky .....	10
5. Ekonomické aspekty .....	10
6. Seznam použité literatury.....	10
7. Seznam publikací, které předcházely metodice .....	10
8. Jména oponentů a názvy jejich organizací .....	11
9. Dedikace.....	11
10. Přílohy .....	11
10.1 Genetické parametry délky březosti v literatuře .....	11
10.2 Parametrický soubor pro RENUMF90 .....	12
10.3 Parametrický soubor pro AIREMLF90 a BLUP90IOD2 .....	13
10.4 Parametrický soubor pro ACCF90GS.....	14
10.5 Odhad pevných efektů .....	15
10.6 Genomické plemenné hodnoty pro přímý efekt.....	15
10.7 Genomické plemenné hodnoty pro maternální efekt .....	15
10.8 Průměrná délka březosti pro horní a dolní kvartil býků seřazených podle genomických plemenných hodnot (přímý efekt).....	16
10.9 Průměrné spolehlivosti konvenčních a genomických plemenných hodnot.....	16
10.10 Genetický trend délky březosti – genomické plemenné hodnoty.....	17
10.11 Statisticky významné korelace mezi plemennými hodnotami pro délku březosti a pro vlastnosti zařazené v selekčním indexu holštýnského skotu.....	18

# 1. Cíl metodiky

Cílem předkládané metodiky je popsat postup genomického hodnocení délky březosti u holštýnského skotu pomocí jednoznakového modelu s opakovatelností a se zohledněním maternálního efektu, s využitím jedнокrokové metody předpovědi genomické plemenné hodnoty ssGBLUP. Výběrem býka na základě plemenné hodnoty pro délku březosti lze zkrátit nebo prodloužit dobu, po kterou je zapuštěná kráva březí. Údaj o plemenné hodnotě pro délku březosti bude využíván pro přesnější odhad data otelení, lepší stanovení doby zasušení a sestavování skupin plemenic podle fáze reprodukce. Jak ukázaly dále citované studie, cílení na střední délku březosti je spojeno s optimální délkou produkčního života, obtížností telení, podílem mrtvě narozených telat nebo délkou servis periody.

## 2. Vlastní popis metodiky

### 2.1 Úvod

Délka březosti je významným fyziologickým znakem, který není v podmínkách České republiky dosud hodnocen. Národní genomické hodnocení délky březosti se dosud provádí u dojených plemen v USA (Wright a VanRaden, 2017), a to od srpna 2017. V roce 2019 byl představen postup genomického hodnocení délky březosti u holštýnského skotu také pro Austrálii (Haile Mariam a Pryce, 2019). V obou populacích byl přitom zjištěn genetický trend ke zkracování březosti. V USA je tento trend spojován s příznivou korelací krátké březosti se snadnějším průběhem porodů u dcer (0,38), produkcí mléka, délkou produkčního života (0,24 - 0,29) a silným selekčním tlakem na tyto vlastnosti. V Austrálii souvisí pravděpodobně se zavedením šlechtění na lepší plodnost. Tento trend se projevil i v české populaci, když na základě žádosti Svazu chovatelů holštýnského skotu byla v prosinci 2020 provedena úprava intervalu délky březosti používaného pro ověření původů přebíraných z Ústřední evidence. Interval, který neodpovídal současnému stavu populace, byl u dojných plemen zkrácen na 254-297 (dříve 260-303) dní pro jedináčky a 248-291 (dříve 254-297) dní pro vícečetné porody.

Genetické a prostředkové faktory, které ovlivňují délku březosti, hodnotili např. Norman a kol. (2009). Při směrodatné odchylce 5-6 dnů zjistili jen malý vliv roku zabřeznutí, střední vliv měsíce zabřeznutí (+2 dny u krav zabřezlých v lednu-únoru ve srovnání s říjnem), významný vliv narození dvojčat (-5 dnů ve srovnání s jedináčky), pohlaví telete (-1,5 dne pro jalovičky ve srovnání s býčky) a pořadí otelení (o 0,3 – 1,6 dne delší u krav oproti prvotelkám).

Předpokládané genetické rozdíly v délce březosti jsou dobře ilustrovány meziplennými rozdíly v tomto znaku. Jersey a holštýnský skot patří k dojeným plemenům s nejkratší březostí, (v průměru 277 – 288 dnů), naopak delší březosti jsou dokumentovány u guernseyského a švýcarského hnědého skotu (287 dnů). Stejně jako existují rozdíly mezi plemeny, jsou i značné rozdíly uvnitř plemen v délce březosti potomků po různých býcích. Heritabilita znaku je střední, a v závislosti na hodnocené populaci a metodě zpravidla nepřekračuje 50 % (viz Příloha 8.1). Odhad PH se provádí většinou s využitím modelu otce – otce matky (Hansen et al. 2004; Norman et al. 2009; Eaglen et al. 2013). Dle Wrightové a VanRadena (2017) by však hodnocení délky březosti jako znaku telete modelem jedince mohlo vést k vyšší spolehlivosti díky zohlednění příbuzenských vazeb matek. Část studií hodnotí délku březosti u prvotetek a krav jako 2 různé znaky. Genetická korelace mezi nimi se však blíží 1, a je proto možné pro zjednodušení výpočtu využít model s opakovatelností (Haile-Mariam a Pryce, 2019).

### 2.2 Popis a úprava datových souborů

#### 2.2.1 Soubor délky březosti

Pro odhad genetických parametrů dodala Českomoravská společnost chovatelů, a. s. část databáze s údaji o reprodukci z let 2011–2019, tj. cca 1 mil. zaznamenaných březostí. Databáze obsahovala

- číslo telete,
- číslo otce,
- plemeno otce,

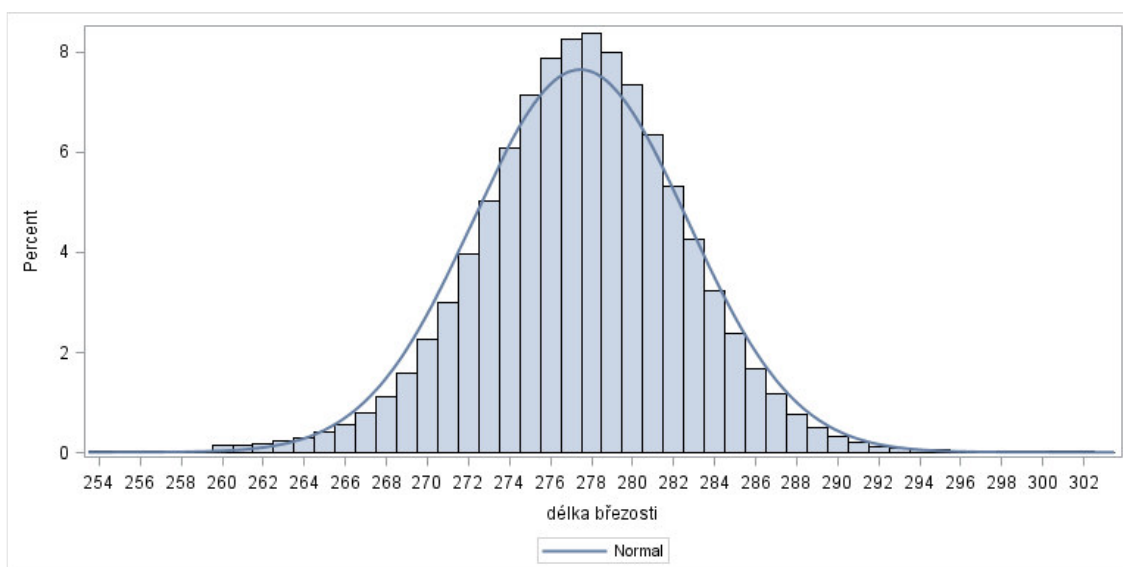
- číslo matky,
- plemeno matky.
- datum narození matky,
- datum poslední inseminace před otelením,
- datum otelení,
- pořadí otelení,
- kód otelení.

### *Plemeno*

Do výpočtu vstupují vzhledem k významným rozdílům v délce březosti mezi plemeny pouze telata po H100 býčích a z matek s podílem genotypu H  $\geq$  75.

### *Délka březosti*

Délka březosti byla dopočtena z rozdílu mezi datem otelení a datem poslední předcházející inseminace. Data vstupující do výpočtu byla omezena na interval používaný v době zápisu dat při ověření správnosti původu dojených plemen, tj. 260–303 dnů pro jedináčky a 254–297 dnů pro vícečetné porody. Tento interval byl k 3. 12. 2020 upraven tak, aby odpovídal podmínkám v populaci, a nově je určen v délce 254–297 dnů pro jedináčky a 248–291 dnů pro vícečetné porody.



Tuto skutečnost bude nutné zohlednit při budoucí úpravě vstupního souboru založeného na datech zadávaných od roku 2021. V hodnocené populaci holštýnského skotu je délka březosti charakterizována průměrem 277,5 dne se směrodatnou odchylkou 5,22 dnů, mediánem 278 dnů a rozdělením blízkým normálnímu se šikmostí -0,10 a špičatostí 1,24.

### *Stádo-rok-sezóna otelení*

Do hodnocení jsou zařazena stáda s alespoň pěti vrstevnicemi (krávy otelené ve stejné sezóně daného roku). Jsou definovány dvě sezóny otelení, které se průkazně liší délkou březosti. Letní sezóna zahrnuje měsíce duben–září, zimní sezóna zahrnuje měsíce říjen–březen.

### *Pohlaví telete*

Pohlaví telete je rozděleno do výsledných čtyř kategorií dle Tabulky 1. Vícečetné porody se započítají pouze jedenkrát (tzn. pouze jeden z vícečetných sourozenců vstupuje do odhadu plemenné hodnoty).

Tabulka 1. Pohlaví telete (kod\_otel) podle Zásad vedení ústřední evidence (ČMSCH, 2019)

Tele	kod_otel	Kategorie pohlaví telete
Býček	01	B
Jalovička	02	J
Dvojčata – býčci	11	D
Dvojčata – jalovičky	22	D
Dvojčata různé pohlaví – býček	31	D
Dvojčata různé pohlaví – jalovička	32	D
Dvojčata – živý býček, 2. tele mrtvé	41	D
Dvojčata – živá jalovička, 2. tele mrtvé	42	D
Živý býček z trojčat + více narozených	51	D
Živá jalovička z trojčat + více narozených	52	D
Žádné živě narozené tele a 1 mrtvé	61	N
Žádné živě narozené tele a 2 mrtvá telata	62	D
Žádné živě narozené tele a 3 mrtvá telata	63	D
Žádné živě narozené tele a 1 mrtvý býček	64	B
Žádné živě narozené tele a 1 mrtvá jalovička	65	J
Býček, živě narozený, úhyn do 48 hodin	66	B
Jalovička, živě narozená, úhyn do 48 hodin	67	J
Zmetání po 7 měsících březosti	71	Vyřazeno
Jiný číselný kód	0	Vyřazeno

### Pořadí otelení

Věk plemence při prvním otelení je omezen na interval 550–1 350 dnů. Pro každé pořadí otelení od prvního do pátého byla ponechána samostatná skupina. Krávy na pátém a dalším otelení byly sdruženy do jedné skupiny.

#### 2.2.2 Soubor rodokmenů kdb001

Soubor kdb001 obsahuje ID jedince, otce a matky (formát \$15.). Tento rodokmen je třeba porovnat s původem telat uvedeným v souboru reprodukce, kde je zaznamenáno číslo telete, krávy a býka provázaného s poslední inseminací. Pokud číslo otce nebo matky v souboru délky březosti neodpovídá ID v rodokmenu, je třeba záznam z dalšího hodnocení vyloučit. Pro jedince bez ID se známým původem (mrtvě narozená telata) jsou vytvořena fiktivní ID ve tvaru (M00 || 100000000000+číslo řádku).

#### 2.2.3 Soubor genotypů

Soubor kgen001 obsahuje 2 pole – 1. číslo zvířete a 2. jeho SNP genotyp. SNP genotyp je ve formátu 0 (homozygot), 1 (heterozygot), 2 (alternativní homozygot) a 5 (chybějící hodnota). Soubor genotypů je propojen se souborem rodokmenů a souborem délky březosti pomocí programu RENUMF90 (parametrický soubor Příloha 2.).

### 2.3 Modelová rovnice pro odhad složek rozptylu

Pro vyhodnocení délky březosti byla navržena modelová rovnice ve tvaru:

$$Y_{ijklmno} = \mu + PO_j + PL_k + MĚS\_ZAB_l + HYS_m + a_n + m_n + pe_o + e_{ijklmno},$$

kde

$Y_{ijklmno}$  – je  $i$ -tá délka březosti ošetřená jako znak telete s rozpětím 260–303 dnů pro jedináčky a 254–297 dnů pro vícečetné porody;

$\mu$  – populační průměr;

$PO_j$  – pevný vliv  $j$ -tého pohlaví telete se čtyřmi hladinami: B – býček, J – jalovička, D – vícečetné porody, N – neznámé, tj. zpravidla mrtvě narozená telata bez určení pohlaví;

$PL_k$  – pevný vliv pořadí otelení s pěti hladinami: 1 – první, 2 – druhé, 3 – třetí, 4 – čtvrté, 5 – páté a další;  
 $MĚS\_ZAB_i$  – pevný vliv l-tého měsíc zabřeznutí se šesti hladinami: 1 – leden, únor, 2 – březen, duben, 3 – květen, červen, 4 – červenec, srpen, 5 – září, říjen, 6 – listopad, prosinec;  
 $HYS_m$  – pevný vliv m-tého stáda x roku x období;  
 $a_n$  – náhodný přímý genetický vliv n-tého jedince;  
 $m_n$  – náhodný maternální genetický vliv n-tého jedince;  
 $pe_o$  – náhodný vliv trvalého prostředí o-té matky;  
 $e_{ijklmno}$  – náhodný reziduální vliv.

## 2.4 Složky rozptylu

Pro daný model a původ jedinců do 3 generace byly odhadnuty složky rozptylu délky březosti, jak je uvádí Tab. 2.

Tabulka 2: Složky rozptylu délky březosti

Vliv		Vysvětlená proměnlivost
Přímý genetický vliv jedince	$\sigma_A^2$	12,23 ± 0,284
Maternální genetický vliv jedince	$\sigma_M^2$	1,24 ± 0,064
Kovariance mezi přímým a maternálním genetickým vlivem	$\sigma_{A,M}$	0,03 ± 0,114
Permanentní vliv prostředí matky	$\sigma_{PE}^2$	0,70 ± 0,040
Reziduální vliv	$\sigma_E^2$	10,54 ± 0,143
Celkový fenotypový rozptyl	$\sigma_P^2$	24,74
Přímá heritabilita	$h^2$	0,49
Maternální heritabilita	$h_M^2$	0,05
Celková heritabilita	$T^2$	0,55

Přímá heritabilita  $h^2$  byla spočtena jako podíl aditivní genetické proměnlivosti  $\sigma_A^2$  z celkové fenotypové proměnlivosti  $\sigma_P^2$  dané součtem všech složek jako:

$$\sigma_P^2 = \sigma_A^2 + \sigma_M^2 + \sigma_{A,M} + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2.$$

Celková heritabilita  $T^2$  při zohlednění maternální dědivosti (Eaglen & Bijma, 2009) je míra dědičné variance, která představuje rozsah genetických rozdílů využitelných pro generování selekční odezvy bez ohledu na metodu selekce:

$$T^2 = \frac{\sigma_{TBV}^2}{\sigma_P^2},$$

kde  $\sigma_{TBV}^2 = \sigma_A^2 + 2\sigma_{A,M} + \sigma_M^2$ .

## 2.5 Genomické plemenné hodnoty

Genomické plemenné hodnoty jsou odhadnuty metodou jedнокrokové genomické předpovědi ssGBLUP s využitím složek rozptylu, jak je uvádí Tab. 2. K přečíslování rodokmenu se zahrnutím genotypovaných zvířat je využit program RENUMF90, pro odhad genomických plemenných hodnot slouží program BLUP90IOD2. Spolehlivosti genomických plemenných hodnot jsou aproximovány programem ACCF90GS z rodiny BLUPF90 programů (Misztal et al., 2018). Parametrické soubory vyjmenovaných programů jsou uvedeny v příloze 10.2 a 10.3.

## 3. Srovnání novosti postupů

Délka březosti není dosud v podmínkách ČR hodnocena. Délka březosti je korelována s průběhem porodu a následnou životaschopností telat, se zdravotním stavem plemenic po otelení, jejich plodností i délkou

produkčního života. Jako taková je jedním z faktorů, které ovlivňují efektivitu a udržitelnost chovu dojníc a zapadá tak do současného směru šlechtění holštýnské populace.

#### 4. Popis uplatnění certifikované metodiky

Svaz chovatelů holštýnského skotu ČR, a.s. Holstein CZ je uznaným chovatelským sdružením a nositelem jedné společné Plemenné knihy holštýnského skotu (PK) pro celou ČR, vydává potvrzení o původu zvířat a stanovuje chovný cíl a standard plemene, stanovuje parametry pro výběr plemenných zvířat a prosazuje intenzifikaci šlechtění a dosažení rentability chovu. Rozhodnutím Ministerstva zemědělství ČR je Svaz uznaným chovatelským sdružením pro holštýnské plemeno skotu. Předkládaná metodika poskytne informace využitelné pro šlechtění holštýnského skotu v ČR založené na přímém sledování délky březosti, a umožní odhad plemenných hodnot pro tento znak.

#### 5. Ekonomické aspekty

Předpokládané ekonomické přínosy pro uživatele se pohybují na úrovni 0 Kč ve formě hospodářského výsledku v průběhu následujících pěti let v důsledku očekávané delší odezvy na šlechtění. V souladu s doporučením Rady vlády pro výzkum uživatel metodiky nevytváří těmito činnostmi přímý zisk. Vytvářením podkladů a řízením šlechtitelské práce dochází ke zvýšení kvality plemenařské práce u chovatelů holštýnského skotu a zlepšují se tak základní předpoklady pro ekonomické přínosy pro jednotlivé chovatele.

#### 6. Seznam použité literatury

- Eaglen SAE and Bijma P. Genetic parameters of direct and maternal effects for calving ease in Dutch Holstein-Friesian cattle. *J. Dairy Sci.* 2009 May; 92(5):2229–2237. doi: 10.3168/jds.2008-1654.
- Eaglen SAE, Coffey MP, Wooliams JA, Wall E. Direct and maternal genetic relationship between calving ease, gestation length, milk production, fertility, type, and lifespan of Holstein-Friesian primiparous cows. *J Dairy Sci.* 2013 Jun; 96(6):4015–4025. doi: 10.3168/jds.2012-6229.
- Haile-Mariam M and Pryce JE. Genetic evaluation of gestation length and its use in managing calving patterns. *J Dairy Sci.* 2019 Jan; 102(1):476–487. doi: 10.3168/jds.2018-14981.
- Hansen M, Lund MS, Pedersen J, Christensen LG. Gestation length in Danish Holsteins has weak genetic association with stillbirth, calving difficulty, and calf size. *Liv Prod Sci.* 2004 Jun; 91:23-33. doi: 10.1016/j.livprodsci. 2004.06.007
- Misztal I, Aguilar I, Legarra A, Vitezica Z. Manual for BLUPF90 family of programs. University of Georgia, Athens, USA. 2018. 142 p.
- Nienartowicz-Zdrojewska A, Sobek Z, Róžańska-Zawieja J. Evaluation of gestation length and birth weight of offspring of Polish native cattle breeds in context of estimating genetic parameters. *Czech J Anim Sci.* 2018 Aug; 63(8):323–330. doi: 10.17221/65/2017-CJAS.
- Norman, HD, Wright, JR, Kuhn, MT, Hubbard, SM, Cole, JB, VanRaden, PM. Genetic and environmental factors that affect gestation length in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 2009 May; 92(5):2259-2269. doi: 10.3168/jds.2007-0982.
- Wright JR, Van Raden PM. Genetic evaluation of gestation length as a trait of the service sire. *J Dairy Sci.* 2017; 100(Suppl. 2):42(abstr. M100).

#### 7. Seznam publikací, které předcházely metodice

- Kašná, E., Zavadilová, L., Krupa, E., Krupová, Z. a Kranjčevićová, A. Evaluation of gestation length in Czech Holstein cattle. *Czech Journal of Animal Science.* 2020, 65(12), 473-481. doi: 10.17221/105/2020-CJAS.
- Kašná, E., Zavadilová, L., Klímová, A., Krupová, Z. Genomic evaluation of gestation length in Holstein cattle. In *Sborník abstraktů z konference Animal Science Days*, 15. – 17. 9. 2021, Gödöllő, Hungary.
- Zavadilová, L., Kašná, E., Klímová, A. Spolehlivost genomických plemenných hodnot pro znaky zdraví u holštýnských dojníc. In *Aktuální směry ve šlechtění hospodářských zvířat.* 2021, Praha Uhřetěves: Výzkumný ústav živočišné výroby v.v.i., s. 29–38.

- Kašná, E., Zavadilová, L., Krupová, Z. Genetické hodnocení reprodukčních a metabolických poruch u holštýnských dojnic. In: *Generace za generací: Sborník ze semináře u příležitosti 90. narození prof. Václava Jakubce*, DrSc. 2020, Praha Uhřetěves, Výzkumný ústav živočišné výroby v.v.i., s. 22–29.
- Klímová, A., Kašná, E., Machová, K., Brzáková, M., Příbyl, J., Vostrý, L. The use of genomic data and imputation methods in dairy cattle breeding. *Czech Journal of Animal Science*, 2020, 65, (12): 445–453.
- Kašná, E., Fleischer, P., Zavadilová, L., Šlosárková, S. Genetic evaluation of reproductive and metabolic disorders and displaced abomasum in Czech Holstein cows. *Acta Universitatis Agriculturae et Sylviculturae Mendeliana Brunensis*, 2019, 67(4):939-946.

## 8. Jména oponentů a názvy jejich organizací

Ing. Zdenka Majzlíková

Česká plemenářská inspekce, Praha

doc. Ing. Karel Mach, CSc.

emeritní docent

Katedra genetiky a šlechtění, Česká zemědělská univerzita v Praze

## 9. Dedikace

Metodika vznikla s podporou Národní agentury pro zemědělský výzkum Ministerstva zemědělství ČR, projektu QK1810253.

## 10. Přílohy

### 10.1 Genetické parametry délky březosti v literatuře

Autor	Plemeno	Délka březosti	Model	Počet záznamů	Dědivost přímá prvotelky / krávy	Dědivost maternální	Korelace přímý maternální
Plum et al. 1965	US holštýn	277*	LSM	958	60	N	N
Hansen et al. 2004	DNK holštýn	257–300	S-MGS	184 tis.	42	7	-13 ± 6
Jamrozik et al. 2005	CAN holštýn	240–300	MT AM	46 tis.	31 / 27	13 / 9	0
Norman et al. 2009	brown swiss	273–303	MT S-	32 tis.	- / 36	- / 7	
	holštýn	260–295	MGS	6,7 mil.	47 / 33	12 / 12	
	jersey	260–295		320 tis.	46 / 33	10 / 12	
Eaglen et al. 2013	UK holštýn	265–295	S-MGS	32 tis.	49	9	-30 ± 13
Nienartowicz et al. 2018	POL červinka	254–297	S	5 tis.	17	N	N
	černostrakaté			3 tis.	46		
	červenostakaté			6 tis.	59		
Wright 2017	US ayrshire	281*	S	12,4 mil.	48	N	N
	guernsey	284			prvotelky		
	holštýn	277			44		
	Jersey	278			prvotelky		
	švýcarské hnědé	286			+ krávy		
Haille Mariam 2019	AUS holštýn	260–295	MT S-	906 tis.	28 / 36	4 / 4	-31 ± 8
			MGS		29	3	-45 ± 11
			S-MGS		29	3	-36 ± 12
			AM				

\* průměry; AM – jednoznakový model jedince; LSM – metoda nejmenších čtverců, složky rozptylu dopočteny pro otce a polosourozence; MT AM – víceznakový model jedince; MT S-MGS – víceznakový model otce-otce matky; S-MGS – jednoznakový model otce-otce matky; S-MGS – jednoznakový model otce-otce matky;

## 10.2 Parametrický soubor pro RENUMF90

```
#soubor ph_dat: 1. id 2. pohlavi_tele 3. por_oteleni 4. mesic_zabrez 5. hys 6. delka_brezosti
DATAFILE
ph_dat.dt
TRAITS
6          #pozice pozorovani v souboru
FIELDS_PASSED TO OUTPUT
1          #passing original ID to the renumbered data file
WEIGHT(S)

RESIDUAL_VARIANCE
10.535
EFFECT
2 cross alpha #pohlavi_tele
EFFECT
3 cross alpha #por_oteleni
EFFECT
4 cross alpha #mesic_zabreznuti
EFFECT
5 cross alpha #hys
EFFECT
1 cross alpha #animal
RANDOM
animal
OPTIONAL
mat mpe
FILE
ph_rodok.rk
SNP_FILE
snp_h
(CO)VARIANCES
12.2340 0.0302
0.0302 1.2424
(CO)VARIANCES_MPE
0.6975
```

### 10.3 Parametrický soubor pro AIREMLF90 a BLUP90IOD2

```
# BLUPF90 parameter file created by RENF90
DATAFILE
renf90.dat
NUMBER_OF_TRAITS
  1
NUMBER_OF_EFFECTS
  7
OBSERVATION(S)
  1
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT[EFFECT NESTED]
  2   4 cross
  3   5 cross
  4   6 cross
  5 10981 cross
  6 1569532 cross
  7 1569532 cross
  7 1569532 cross
RANDOM_RESIDUAL_VALUES
  10.535
RANDOM_GROUP
  5 6
RANDOM_TYPE
add_animal
FILE
renadd05.ped
(CO)VARIANCES
  12.2340  0.0302
  0.0302  1.2424
RANDOM_GROUP
  7
RANDOM_TYPE
diagonal
FILE

(CO)VARIANCES
  0.6975
OPTION SNP_file snp_brez #pouze pro BLUP90IOD2
OPTION saveDiagG        #pouze pro BLUP90IOD2
```

## 10.4 Parametrický soubor pro ACCF90GS

```
# BLUPF90 parameter file created by RENF90
DATAFILE
renf90.dat
NUMBER_OF_TRAITS
  1
NUMBER_OF_EFFECTS
  7
OBSERVATION(S)
  1
WEIGHT(S)

EFFECTS: POSITIONS_IN_DATAFILE NUMBER_OF_LEVELS TYPE_OF_EFFECT[EFFECT NESTED]
  2   4 cross
  3   5 cross
  4   6 cross
  5 10981 cross
  6 1569532 cross
  7 1569532 cross
  7 1569532 cross
RANDOM_RESIDUAL_VALUES
  10.535
RANDOM_GROUP
  5 6
RANDOM_TYPE
add_animal
FILE
renadd05.ped
(CO)VARIANCES
  12.2340  0.0302
  0.0302  1.2424
RANDOM_GROUP
  7
RANDOM_TYPE
diagonal
FILE

(CO)VARIANCES
  0.6975
OPTION SNP_file snp_brez
OPTION DiagG_file DiagG
OPTION anim 5
OPTION mat 6
OPTION mpe 7
OPTION model animal
```

## 10.5 Odhad pevných efektů

Pohlaví telete	odhad
Býček	0,0
jalovička	-1,4
vícečetný porod	-5,7
neznámé	-2,4
<b>Pořadí otelení</b>	
1	0,00
2	0,75
3	0,83
4	0,90
5	0,91
<b>Měsíc zabřeznutí</b>	
leden - únor	0,04
březen - duben	0,00
květen – červen	-0,04
červenec – srpen	0,16
září – říjen	-0,09
listopad - prosinec	-0,01

## 10.6 Genomické plemenné hodnoty pro přímý efekt

	N	GPH	spolehlivost
Celkem	1 482 464	2,38 ± 2,51	0,51 ± 0,19
Býci	452 350	2,51 ± 2,57	0,62 ± 0,05
Krávy	985 516	2,32 ± 2,44	0,46 ± 0,22
Otcové telat	1 817	2,45 ± 3,24	0,94 ± 0,06
Matky telat	426 523	2,86 ± 2,42	0,55 ± 0,11
Jedinci s fenotypem	923 021	2,50 ± 2,60	0,63 ± 0,02
Genotypovaní býci	4 515	3,24 ± 3,72	0,75 ± 0,19
Genotypované krávy	24 262	1,52 ± 2,86	0,70 ± 0,05
Mladí G býci*	398	-0,09 ± 2,54	0,64 ± 0,04
Mladé G jalovice*	16 688	1,10 ± 2,75	0,68 ± 0,03

\* ročník 2019–2020, bez vlastního záznamu délky březosti

## 10.7 Genomické plemenné hodnoty pro maternální efekt

	N	GPH	spolehlivost
Celkem	1 482 464	-1,16 ± 0,91	0,28 ± 0,11
Býci	452 350	-1,22 ± 0,87	0,29 ± 0,08
Krávy	985 516	-1,12 ± 0,93	0,27 ± 0,12
Otcové telat	1 817	-1,09 ± 1,48	0,65 ± 0,24
Matky telat	426 523	-1,50 ± 0,79	0,35 ± 0,04
Jedinci s fenotypem	923 021	-1,24 ± 0,86	0,30 ± 0,07
Genotypovaní býci	4 515	-1,22 ± 1,92	0,47 ± 0,25
Genotypované krávy	24 262	-0,22 ± 1,38	0,32 ± 0,06
Mladí G býci*	398	1,18 ± 1,25	0,25 ± 0,05
Mladé G jalovice*	16 688	0,09 ± 1,25	0,30 ± 0,05

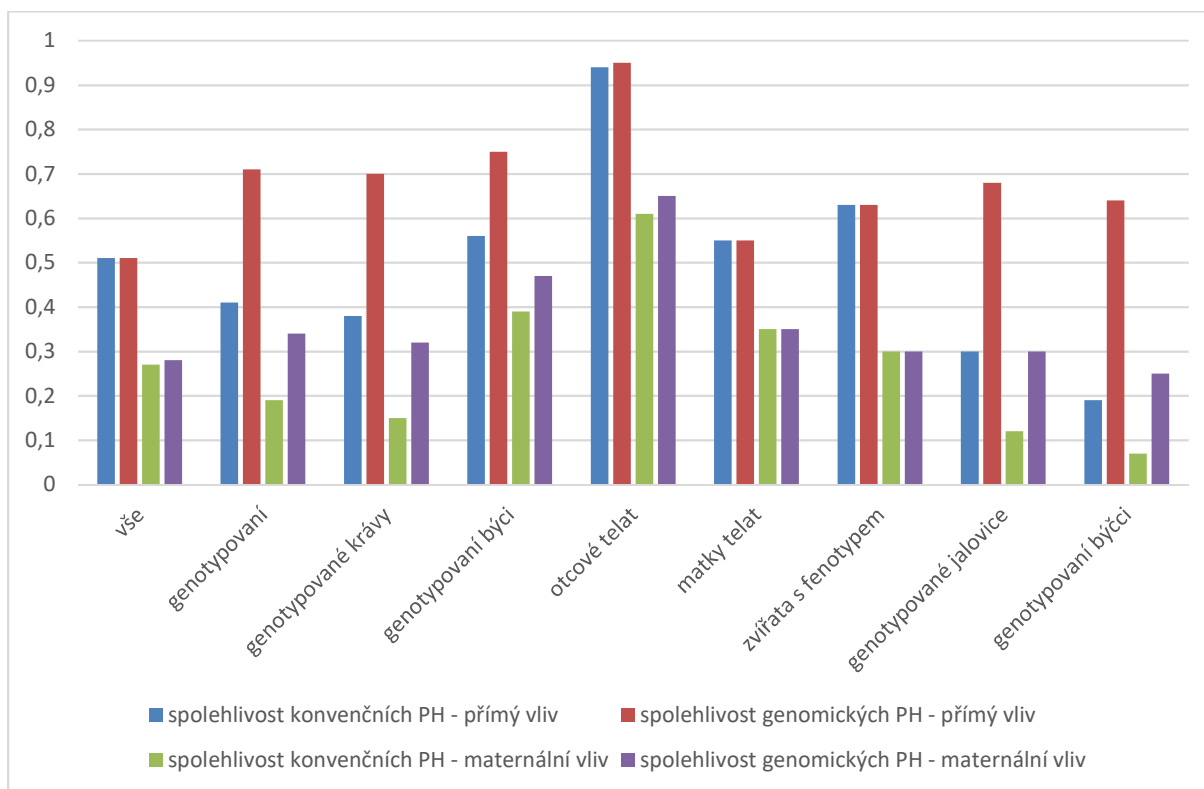
\* ročník 2019–2020, bez vlastního záznamu délky březosti

## 10.8 Průměrná délka březosti pro horní a dolní kvartil býků seřazených podle genomických plemenných hodnot (přímý efekt)

	GPH	Délka březosti	Sm. odchylka	Min.	Max.
Q1	≤ 0,35	275	1,19	271	280
průměr		278	1,94	271	286
Q3	≥ 4,59	280	1,40	274	286

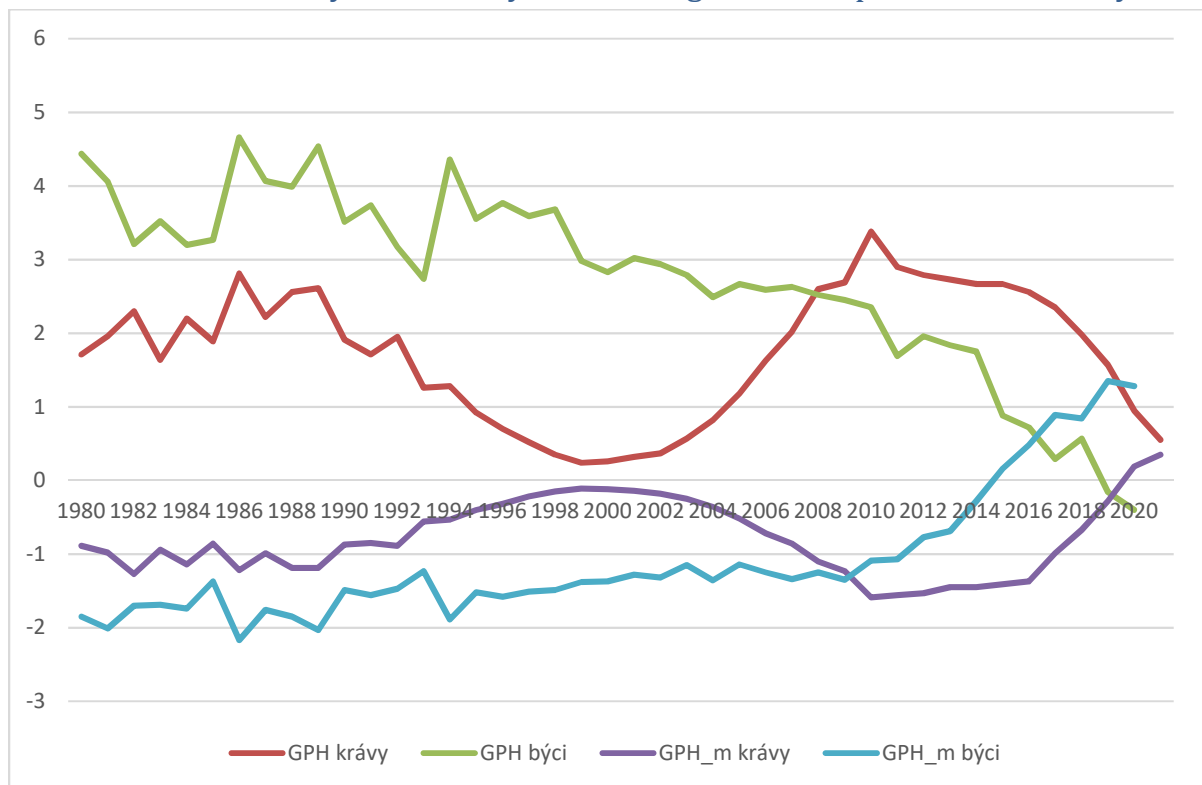
Délky březosti u potomků dolního (Q1) a horního (Q3) kvartilu býků seřazených podle genomických plemenných hodnot se v průměru lišily o 5 dnů. Potomci býků z dolního kvartilu se rodili v průměru o tři dny dříve oproti průměru populace. Potomci býků z horního kvartilu se rodili v průměru o dva dny později ve srovnání s průměrem populace.

## 10.9 Průměrné spolehlivosti konvenčních a genomických plemenných hodnot



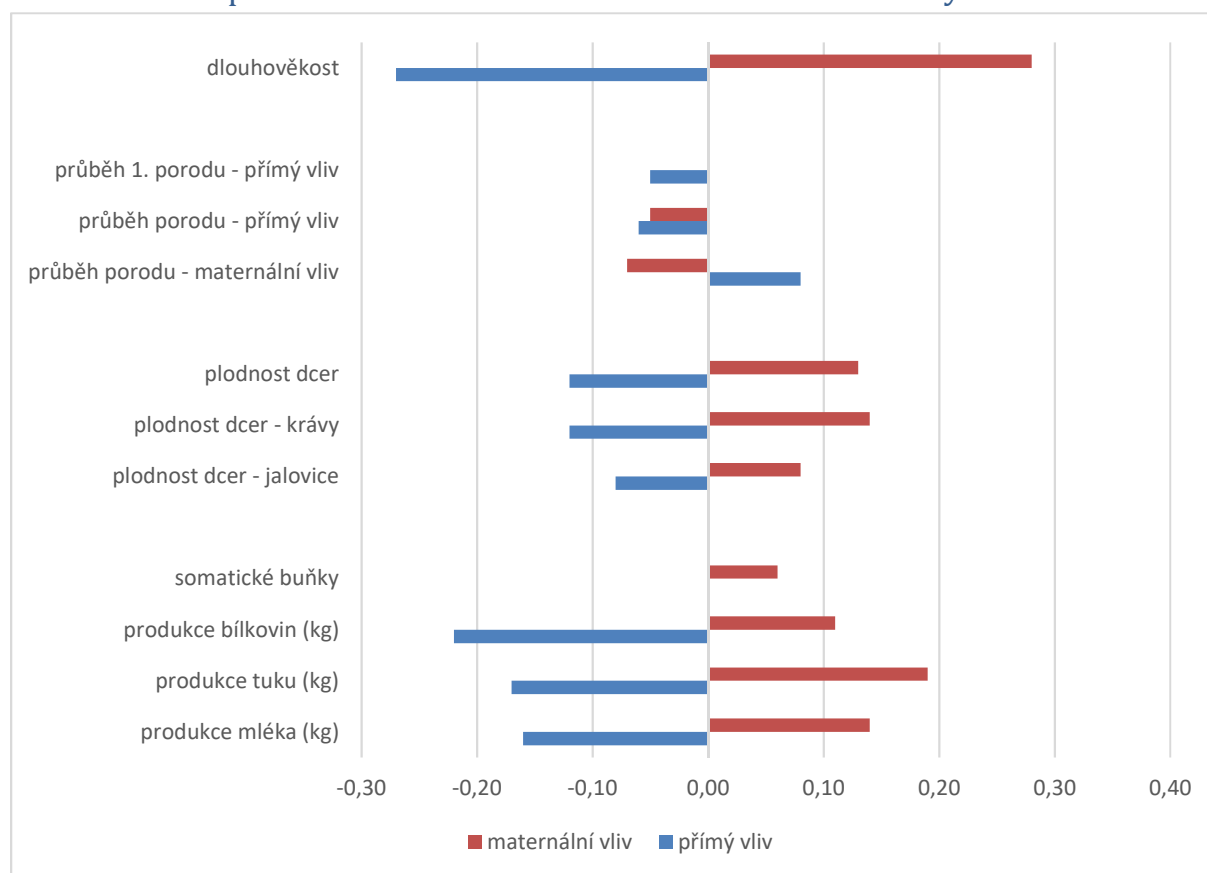
Zapojení genomické informace do odhadu plemenných hodnot přineslo relativně jen nízké zlepšení jeho spolehlivosti (o cca jeden procentní bod) ve srovnání s konvenčním odhadem. To je dáno malým podílem genotypovaných zvířat (cca 28 tis.) na celkovém počtu hodnocených zvířat (téměř 1,5 mil.), ale i poměrně vysokou dědivostí délky březosti. Nárůst spolehlivosti byl však výrazný u genotypovaných zvířat, která často neměla záznam vlastní délky březosti (ročníky narození 2019 a výše). Oproti tomu spolehlivost odhadu plemenných hodnot u zvířat s vlastním fenotypem nebo s potomky se s využitím genomické informace v průměru prakticky neměnila, s výjimkou odhadu plemenné hodnoty pro maternální vliv na délku březosti u otců telat, která se s genomickou informací v průměru zvýšila o čtyři procentní body.

## 10.10 Genetický trend délky březosti – genomické plemenné hodnoty



Genetické trendy ukazují na postupné zkracování přímého založení pro délku březosti v populaci plemenných býků, a od roku 2010 i v populaci krav. Tento trend je částečně kompenzován opačným vývojem trendu v oblasti maternálního vlivu.

### 10.11 Statisticky významné korelace mezi plemennými hodnotami pro délku březosti a pro vlastnosti zařazené v selekčním indexu holštýnského skotu



Korelace mezi plemennými hodnotami jsou aproximací genetických korelací mezi vlastnostmi. Zjištěné hodnoty naznačují příznivou vazbu mezi přímým vlivem pro kratší březost a lepší dlouhověkostí, plodností a vyšší produkcí mléka, mléčného tuku a bílkovin. Relativní plemenné hodnoty pro průběh porodů jsou zveřejňovány tak, že vyšší hodnoty znamenají snadnější průběh, zjištěná negativní korelace tedy ukazují na spojení mezi přímým založením pro delší březostí a nepříznivým založením pro průběh porodu, respektive lepším založením pro maternální vliv na průběh porodu. Maternální založení pro kratší březost je naopak spojeno s horší dlouhověkostí, lepším přímým i maternálním průběhem porodů, nižší plodností dcer i nižší produkcí mléka, mléčného tuku a bílkovin.

Vydal: Výzkumný ústav živočišné výroby, v. v. i., Praha Uhřetěves

Název: Odhad genomických plemenných hodnot pro délku březosti u holštýnského skotu

Autoři: Ing. Eva Kašná, Ph.D. (60 %)  
Ing. Ludmila Zavadilová, CSc. (20 %)  
Ing. Anita Klímová, Ph.D. (10 %)  
Ing. Zuzana Krupová, Ph.D. (10 %)

Oponenti: Ing. Zdeňka Majzlíková  
Česká státní plemenářská inspekce, Praha  
  
doc. Ing. Karel Mach, CSc.  
Emeritní docent, Fakulta agrobiologie, potravinových a přírodních zdrojů  
Česká zemědělská univerzita, Praha

Dedikace: Metodika byla vypracována v rámci řešení projektu NAZV QK1810253.

ISBN 978-80-7403-255-4

Vydáno bez jazykové úpravy.

Výzkumný ústav živočišné výroby, v. v. i.

Přátelství 815

104 00 Praha Uhřetěves

[WWW.VUZV.CZ](http://WWW.VUZV.CZ)